

Olsztyn, 10. stycznia 2025 r.

Prof. dr hab. Jan Miciński, prof. zw.  
Katedra Hodowli Owiec i Kóz  
Wydział Bioinżynierii Zwierząt  
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

### **Recenzja**

rozprawy doktorskiej mgr Piotra Kostusiaka,

**pod tytułem: „Zależność między genami kandydującymi a kształtowaniem się potencjału oksydacyjnego mięsa wołowego”**

wykonanej w Katedrze Hodowli Zwierząt, Instytutu Nauk o Zwierzętach, Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie pod kierunkiem Promotora dr hab. Kamili Puppel, prof. SGGW.

#### **1. Uzasadnienie celowości podjętych badań zawartych w rozprawie doktorskiej.**

W Polsce pogłowie bydła mięsnego stanowi ok. 1% populacji bydła ogółem. Dlatego też podstawę produkcji wołowiny stanowią mleczne rasy (głównie rasa PHF), które wykorzystuje się w krzyżowaniu towarowym do produkcji mieszańców mięsnych. Wpływa to niewątpliwie na jakość produkowanej w kraju wołowiny, która nie jest konkurencyjna w stosunku do pochodzącej z innych krajów gdzie jej produkcja oparta jest o rasy mięsne. Takiej sytuacji w naszym kraju nie sprzyja doskonalenie w kierunku mlecznym krów rasy PHF, co skutkuje niższymi przyrostami dobowymi opasów oraz gorszymi wynikami w ocenie EUROP, a także niższymi walorami odżywczymi mięsa. W Polsce w hodowli czystorasowej jak też w krzyżowaniu towarowym najbardziej popularną rasą jest limousine-LM (70% populacji krów czystorasowych), następnie charolaise-CH (12%) i hereford-HH (6%). Do poprawy cech użytkowości opasowej jak i rzeźnej potomstwa powszechnie stosuje się krzyżowanie towarowe. Efektem krzyżowania jest uzyskanie cieląt wykazujących lepsze przyrosty, efektywniejsze wykorzystanie paszy oraz korzystniejszą konformację tuszy. Kluczowym czynnikiem warunkującym poprawę tych cech jest zjawisko heterozji, określane również jako "wybujalność mieszańców", które prowadzi do wyraźnej poprawy cech opasowych u pierwszego pokolenia mieszańców (F<sub>1</sub>).

Istotnym elementem w nowoczesnej hodowli bydła mięsnego, zmierzającej do poprawy wyników produkcyjnych oraz jakości mięsa wołowego jest zwrócenie uwagi na polimorficzne formy genów, które odgrywają fundamentalną rolę w tym zakresie, a do których należą geny kodujące miostatynę (MSTN), tyreoglobulinę (Ig), kalpainę (CAPN<sub>1</sub>) oraz kalpastatynę (CAST). Zrozumienie interakcji pomiędzy genotypem a fenotypem oraz ich wpływu na właściwości organoleptyczne i biochemiczne mięsa jest niezbędne do uzyskania produktów o wysokiej jakości, co jest ważne w kontekście rosnącego zapotrzebowania na zdrową i wysokowartościową żywność. Dlatego też uważam za słuszne i celowe podjęcie przez Doktoranta tematu obejmującego zastosowanie transkryptomiki, epigenomiki i proteomiki w analizie ekspresji genów kształtujących potencjał antyoksydacyjny mięsa wołowego w aspekcie zależności między genami kandydującymi a kształtowaniem się potencjału antyoksydacyjnego mięsa wołowego i poszukiwaniu wyjaśnienia czy polimorfizmy w genach DGAT<sub>1</sub>, LEP, SCD<sub>1</sub>, SREBF<sub>1</sub> oraz TG mają istotny wpływ na parametry jakości mięsa oraz na regulację odpowiedzi organizmu na stres oksydacyjny. Należy podkreślić znaczenie takich badań, które umożliwiają lepsze zrozumienie mechanizmów molekularnych regulujących fenotypowe cechy jakościowe mięsa, co jest kluczowe dla optymalizacji programów selekcyjnych przydatnych w hodowli bydła mięsnego. Eksploracje genów charakteryzujących się istotnym wpływem na parametry jakościowe mięsa powinny być kontynuowane, aby wspierać rozwój zrównoważonych strategii hodowlanych uwzględniających zarówno wydajność produkcyjną jak i dobrostan zwierząt. Zrozumienie interakcji pomiędzy genotypem a fenotypem oraz ich wpływu na właściwości organoleptyczne i biochemiczne mięsa jest niezbędne do uzyskiwania produktów



o wysokiej jakości, co jest ważne w kontekście rosnącego zapotrzebowania na zdrową i wysokowartościową żywność.

Uważam zatem, że postawione w dysertacji cele dotyczące 4 przeprowadzonych doświadczeń, są słuszne, potrzebne, aktualne i zarazem nowoczesne.

## 2. Ocena formalna pracy

Rozprawa doktorska mgr Piotra Kostusiaka zawarta jest na 154 stronach. Pierwszych 6 stron stanowiących tytuł rozprawy, oświadczenia promotora i doktoranta oraz spis treści jest nienumerowanych. Numeracja rozpoczyna się od 7 do 66 strony, w skład których wchodzi: 8 stron zawierających streszczenia w języku polskim i angielskim, 2 strony zawierające wykaz zastosowanych skrótów, 1 strona informująca o publikacjach wchodzących w skład rozprawy doktorskiej, 15 stron wstępu, 3 strony dotyczące hipotez badawczych, celu i zakresu pracy, oraz 9 stron to materiał i metody. Opis wyników dotyczący 4 opublikowanych prac zawarto na 10 stronach tekstu a 5 stron zajmuje podsumowanie i wnioski. Bibliografia zawiera 6 stron i dodatkowo na 1 stronie Doktorant ponownie podał spis publikacji wchodzących w skład rozprawy doktorskiej. Następnie na 88 stronach nienumerowanych znajdują się kopie 4 oryginalnych, opublikowanych w czasopiśmie wysoko punktowanych, prac naukowych stanowiących podstawę naukową rozprawy doktorskiej oraz oświadczenia wszystkich współautorów zamieszczonych tam prac.

Stwierdzam, że rozprawa doktorska mgr Piotra Kostusiaka została napisana poprawnie, kolejność poszczególnych rozdziałów jak i podrozdziałów została przedstawiona w sposób przejrzysty i czytelny. Cała praca jest przemyślana, a poszczególne badania zostały przedstawione chronologicznie. Doktorant wykorzystał 53 pozycje najnowszej literatury tematycznie związanej z rozprawą doktorską, oczywiście nie licząc tej, która została zawarta w 4 opublikowanych i zamieszczonych publikacjach wchodzących w skład rozprawy. W swoich oświadczeniach współautorzy wyrazili zgodę na wykorzystanie publikacji przez Doktoranta w rozprawie doktorskiej i zaznaczyli Jego wiodący udział w konceptualizacji badań, opracowaniu metodyki, analizie wyników, przeglądu literatury i przygotowaniu manuskryptu, który wynosi między 50 a 60%. Podkreśleniem rangi jego aktywności jest to, że we wszystkich pracach jest pierwszym autorem.

W skład rozprawy doktorskiej wchodzi następujące artykuły:

1. **Kostusiak P.**, Ślósarz J., Gołębiowski M., Grodkowski G., Puppel K. 2023. Polymorphism of genes and their impact on beef quality. *Current Issues in Molecular Biology*. 45, 4749-4762. <https://doi.org/10.3390/cimb45060302>
2. **Kostusiak P.**, Ślósarz J., Gołębiowski M., Sakowski T., Puppel K. 2023. Relationship between beef quality and bull breed. *Animals*, 13, 1-16. 2603. <https://doi.org/10.3390/ani13162603>
3. **Kostusiak P.**, Bagnicka E., Żelazowska B., Zalewska M., Sakowski T., Ślósarz J., Gołębiowski M., Puppel K. 2024. Genetic markers related to meat quality properties in fattened HF and HF x Charolaise steers. *Genes*, 5, 843. <https://doi.org/10.3390/genes15070843>
4. **Kostusiak P.**, Bagnicka E., Żelazowska B., Zalewska M., Sakowski T., Ślósarz J., Gołębiowski M., Puppel K. 2024. Genotype-dependent variations in oxidative stress markers and bioactive proteins in Hereford bulls: associations with DGAT1, LEP, and SCD1 genes. *Biomolecules*, 14, 1309. <https://doi.org/10.3390/biom14101309>

Należy zaznaczyć, że publikacje stanowiące rozprawę doktorską zostały opublikowane w latach 2023-2024, są więc bardzo aktualne. Omawiane prace naukowe Doktorant opublikował w czasopiśmie indeksowanych przez tzw. listę JCR o wysokich wskaźnikach nauko metrycznych, tj. **Current Issues in Molecular Biology** (MNiSW=70; IF= 2,800), **Animals** (MNiSW=100; IF=2,323), **Genes** (MNiSW=100; IF= 4,141), **Biomolecules** (MNiSW=100; IF= 4,800). Łączna punktacja, liczona według listy MNiSW za rok wydania prac, wynosi 370 pkt, natomiast IF jest bardzo wysoki i jest równy 14,064. Dobór publikacji



stanowiących podstawę rozprawy doktorskiej jest trafny, nie budzący żadnych zastrzeżeń i odznacza się wysokim poziomem merytorycznym.

### 3. Ocena merytoryczna rozprawy doktorskiej

Wiodącym tematem 4 publikacji, stanowiących podstawę rozprawy doktorskiej, była analiza ekspresji genów odpowiedzialnych za modulację potencjału antyoksydacyjnego mięsa wołowego oraz określenie zależności między genami kandydującymi a kształtowaniem się jakości odżywczej, sensorycznej oraz potencjału antyoksydacyjnego mięsa wołowego. Badania te miały na celu zastosowanie metod proteomicznych do identyfikacji i kwantyfikacji bioaktywnych białek oraz lipidów, a także enzymów zaangażowanych w metabolizm lipidów, w celu określenia ich roli w kształtowaniu właściwości antyoksydacyjnych mięsa wołowego. Następnie dokonano identyfikacji i charakterystyki polimorfizmów w genach kandydujących, takich jak DGAT<sub>1</sub>, LEP, SCD<sub>1</sub>, SREBF<sub>1</sub> oraz TG, w celu określenia ich wpływu na mechanizmy regulujące jakość odżywczą i sensoryczną mięsa wołowego, przeprowadzając także identyfikację i charakterystykę polimorfizmów w genach kandydujących, takich jak DGAT<sub>1</sub>, LEP oraz SCD<sub>1</sub> w celu określenia ich wpływu na funkcjonowanie endogennych mechanizmów ochrony antyoksydacyjnej.

Badania prowadzono w ramach projektu "ERA NET SUSAN: Increasing productivity, resource efficiency and product quality to increase the economic competitiveness of forage and grazing based cattle production systems", który był realizowany w ramach konsorcjum jednostek naukowych Newcastle University (Wlk. Brytania), Instytutu Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu (Polska), Swedish University of Agricultural Sciences (Szwecja), Research Institutes of Sweden (Szwecja), Kiel University Niemcy) i University of Padova (Włochy). Uzyskane wyniki z tych badań wchodzących w skład rozprawy doktorskiej, opublikowano w postaci 1 pracy przeglądowej (publikacja P<sub>1</sub>) oraz 3 prac badawczych opartych na 5 rasach bydła, obejmujących łącznie 237 osobników.

Publikacja pierwsza (P<sub>1</sub>) jest pracą przeglądową uwzględniającą literaturę dotyczącą tematyki polimorfizmu pojedynczych nukleotydów i ich roli w osiągnięciu postępu genetycznego na 4 genach kandydujących, takich jak miostatyna (MSTN), tyreoglobulina (TG), kalpaina (CAPN) oraz kalpastatyna (CAST). W publikacji tej Doktorant wykorzystał 130 pozycji najnowszej literatury z zakresu hodowli bydła mięsnego, polimorfizmu genów oraz ich wpływu na kształtowanie jakości mięsa wołowego oraz zdrowotności zwierząt. Analiza tak obszernego zakresu literatury wykazała istotną rolę polimorfizmu omawianych genów w nowoczesnej hodowli bydła przez wzgląd na ich wpływ na różnice produkcyjne oraz cechy jakościowe mięsa. W przypadku genu kodującego miostatyna (MSTN) wykazano jego związek z hipertrofią mięśni, która determinuje cechę określaną jako dwupośladowość. Wpływa ona na zwiększony udział mięśni w tuszy oraz lepsze przyrosty, jednak może zwiększać częstotliwość występowania trudnych porodów. Stwierdzono również związek polimorfizmu genu tyreoglobuliny (TG) ze stopniem marmurkowatości mięsa oraz udziałem tłuszczu w tuszy. Mięso o większej zawartości tłuszczu śródmięśniowego cechuje lepsza kruchość, soczystość i smakowitość, czyli istotne z punktu widzenia konsumenta cechy organoleptyczne. Przegląd literatury z zakresu układu genów kalpaina-kalpastatyna wykazał ich istotny wpływ na cechy jakościowe mięsa. Polimorficzne formy obu genów wykazywały zróżnicowany stopień i tempo zmian poubojowych, co kształtuje kruchość, soczystość i smakowitość mięsa. Omówione geny stanowią istotne czynniki determinujące jakość mięsa, co jest szczególnie ważne w hodowli bydła mięsnego. Jest to niezwykle cenne i ważne, gdyż wykorzystanie wiedzy z zakresu polimorfizmu genów w pracach hodowlanych może w znaczącym stopniu poprawić cechy jakościowe mięsa, konformację tuszy oraz tempo przemian poubojowych.

W doświadczeniu 1 (publikacja P<sub>2</sub>) badania przeprowadzono na 67 buhajach ras: PHF (16 szt.), LM (18 szt.), CH (17 szt.), HH (16 szt.). Żywnienie prowadzono w sposób ujednolicony, *ad libitum*, mieszanką paszową złożoną z kiszonki z kukurydzy (68%), jęczmienia (29%) z dodatkiem mieszanki mineralno-witaminowej (3%). Po zakończeniu doświadczenia przeprowadzono ubój zwierząt w wieku 21-24 miesięcy, gdzie każda grupa badawcza ubijana była tego samego dnia. Po uboju tusze przechowywano w



chłodni przez 24 godziny, w temperaturze 2-4 °C, po czym pobierano od każdej sztuki 300 g mięśnia półbłoniastego (*musculus semimembranosus*) z przeznaczeniem na wykonanie stosownych analiz.

W doświadczeniu 2 (publikacja P<sub>3</sub>) badanie przeprowadzono na 45 walcach rasy PHF i na 60 walcach mieszańcach F<sub>1</sub> z krzyżowania towarowego ras PHF z CH. Kastrację przeprowadzono między trzecim a czwartym tygodniem życia cieląt metodą bezkrwawą zamkniętą. Po zakończeniu opasu przeprowadzono ubój zwierząt. Następnie tusze przechowywano w chłodni przez 24 godziny, w temperaturze 2-4 C, po czym pobierano 300 g mięśnia półbłoniastego (*musculus semimembranosus*).

Natomiast w doświadczeniu 3 (publikacja P<sub>4</sub>) badanie wykonano na 65 buhajach rasy HE. Buhaje utrzymywane były w systemie wolnostanowiskowym, z dostępem do pastwiska przez pierwszy rok życia. Ubój przeprowadzono w 22 miesiącu życia, a po upływie 24 godzin od uboju pobrano 300g próbki mięśnia półbłoniastego (*musculus semimembranosus*).

Doktorant we wszystkich podanych doświadczeniach w sposób prawidłowy i rzetelny wykonał szereg analiz laboratoryjnych począwszy od pobrania krwi z żyły jarzmowej, a po uboju zwierząt pobrania także próbek mięśnia półbłoniastego i wykonanie podstawowego składu chemicznego mięsa przy użyciu analizatora Food Scan™, wykonywanie analiz pomiaru koloru w systemie CIE L\*a\*b\* za pomocą urządzenia Minolta CM 2022. Oceniał także stopień marmurkowatości za pomocą systemu kamer opartego na technologii VIA (VBG 2000) w miejscu przecięcia mięśnia między 10. a 11. żebrzem mięśnia *longissimus thoracis*.

Do określenia cech smakowych tkanki mięśniowej Doktorant wykorzystał tzw. elektroniczny język, który działał w systemie złożonym z pięciu czujników smaku, z których każdy był połączony ze sztuczną błoną lipidową. Zestaw czujników składał się z CA0 (do wykrywania substancji kwaśnych), C00 (do wykrywania substancji gorzkich), AE<sub>1</sub> (do wykrywania substancji cierpkich), AAE (do wykrywania substancji umami) i CT0 (do wykrywania substancji słonych). Wszystkie czujniki były wstępnie kondycjonowane w roztworze referencyjnym przez jeden dzień przed wykonaniem pomiarów. Konformacja i otłuszczenie tuszy zostały ocenione zgodnie z systemem EUROP klasyfikacji tusz Unii Europejskiej.

Następnie Doktorant wykonał szereg pomiarów obejmujących: przyrost masy ciała z dostarczonej energii metabolicznej, utratę wody, pH i siłę cięcia a także dokonał analizy poziomu bioaktywnych składników tj. anseryna, karnozyna, tauryna i koenzym Q10 oraz określił zawartość witamin rozpuszczalnych w tłuszczach i β-karotenu przy użyciu wysokosprawnej chromatografii cieczowej RP-HPLC Agilent 1100. Następnie dokonał ekstrakcji tłuszczu i określił profil kwasów tłuszczowych przy użyciu chromatografu gazowego Agilent 7890A oraz kolumny Varian Select FAME.

Niewątpliwie duża wartość naukowa rozprawy doktorskiej zawarta jest w dalszej części wykonanych przez Doktoranta analiz, dotyczących genów, tj.: SCD<sub>1</sub>, LEP, DGAT<sub>1</sub>, SREBF<sub>1</sub> i TG. DNA wyizolowano z pobranej w doświadczeniu 2 krwi. Izolacja DNA i genotypowanie zostały przeprowadzone w Instytucie Genetyki i Biotechnologii Zwierząt PAN w Jastrzębcu. Także w osoczu krwi Doktorant oznaczył markery stresu oksydacyjnego tj.: reduktazę glutationową (GluRed), peroksydazę glutationową (GPx), dysmutazę podtlenkową (SOD) i całkowity status antyoksydacyjny (TAS) a następnie obliczył stopień ochrony antyoksydacyjnej (DAP) i poziom dialdehydu malonowego (MDA).

Uzyskane dane poddał analizie wariancji ANOVA przy użyciu programu komputerowego IBM SPSS 23. Analizę wariancji przeprowadził za pomocą procedury GLM w pakiecie SAS, aby określić poziom istotności wszystkich zidentyfikowanych czynników, które mogły wpłynąć na badane cechy lub wpłynęły na związek między analizowanymi cechami a specyficznymi genotypami. Wszystkie zidentyfikowane czynniki miały istotny wpływ na badane cechy, dlatego zostały uwzględnione w ostatecznym modelu. Masa ciała i wiek na początku i na końcu eksperymentu były traktowane jako regresje liniowe w modelu.

W celu oceny wpływu polimorfizmów na poziomy biomarkerów stresu oksydacyjnego i bioaktywnych składników frakcji białkowej wykonał analizę wariancji przy użyciu testu Shapiro-Wilka. Wykorzystano współczynnik korelacji Pearsona, aby zbadać związki pomiędzy polimorfizmami genetycznymi: DGAT<sub>1</sub>, SCD<sub>1</sub> i LEP a biomarkerami stresu oksydacyjnego, w tym dialdehydu malonowego

(MDA), reduktazą glutationową (GluRed), peroksydazą glutationową (GPx), dysmutazą ponadtlenkową (SOD) i całkowitym statusem antyoksydacyjnym (TAS). Współczynnik korelacji Spearmana został użyty do zbadania związków między polimorfizmami genetycznymi a poziomami bioaktywnych składników. Analiza wykazała potencjalne nieliniowe zależności pomiędzy wariantami genetycznymi a stężeniami związków bioaktywnych.

Należy podkreślić prawidłowość doboru przez Doktoranta procedur statystycznych w kolejnych doświadczeniach był jak najbardziej prawidłowy.

W drugiej pracy pt.: „Relationship between Beef Quality and Bull Breed” (tłumaczenie: „Związek pomiędzy jakością wołowiny a rasą buhaja” badania dotyczyły oceny przyżyciowej jak i poubojowej 67 buhajów czterech ras, tj. PHF, LM, CH i HH. W badaniach tych analiza całkowitego statusu antyoksydacyjnego oraz stężenia MDA wskazała na wyższą stabilność oksydacyjną mięsa pochodzącego od ras mięsnych. Niższe wartości MDA u ras takich jak LIM i CH wskazują na bardziej efektywny mechanizm obronny przeciwko reaktywnym formom tlenu, co przekłada się na wyższy stopień ochrony antyoksydacyjnej (DAP). Wyższe stężenia MDA w mięśniach rasy PHF wskazywały na nasilenie peroksydacji lipidów, co jest powiązane z wyższym stresem oksydacyjnym w tej grupie. Zjawisko to może negatywnie wpływać na jakość mięsa oraz jego trwałość. W przypadku ras późno dojrzewających, takich jak LIM i CH, korzystniejszy profil lipidowy oraz wyższa aktywność antyoksydacyjna mogą przeciwdziałać tym negatywnym skutkom, co potwierdza ich przewagę w kontekście jakości mięsa. Potencjał antyoksydacyjny mięsa ras późno dojrzewających był wspierany przez wyższą zawartość bioaktywnych peptydów oraz nienasyconych kwasów tłuszczowych, takich jak sprzężone dieny kwasu linolowego i kwasy omega-3. Wyższy poziom całkowitego potencjału antyoksydacyjnego w mięsie ras późno dojrzewających świadczy o ich przewadze w kontekście ochrony przed oksydacją. Mięśnie ras mięsnych charakteryzowały się wyższymi zawartościami nienasyconych kwasów tłuszczowych oraz witamin rozpuszczalnych w tłuszczach. Obecność tych bioaktywnych składników wspiera mechanizmy obronne organizmu oraz stabilizuje jakość mięsa.

W kolejnej 3 oryginalnej pracy twórczej pt.: „Genetic Markers Related to Meat Quality Properties in Fattened HF and HF x Charolaise Steers” (tłumaczenie: „Markery genetyczne związane z cechami jakości mięsa u opasanych wołców HF i HF x Charolaise”) Doktorant wykazał istotny wpływ polimorfizmów genów DGAT1, LEP, SCD1, SREBF1 i TG na kształtowanie się jakości mięsa wołowego, zarówno pod względem wartości odżywczej, jak i właściwości sensorycznych, gdyż istotnie wpływały na akumulację trójglicerydów w tkance mięśniowej, co przekładało się na skład tłuszczu śródmięśniowego i podskórnego oraz właściwości sensoryczne mięsa wołowego, takie jak marmurkowatość, kruchość i soczystość. Stwierdzono, że homozygoty wykazywały wyższe wartości w parametrach sensorycznych, zawartości tłuszczu i otłuszczenia tuszy oraz marmurkowatości w porównaniu do heterozygot. Ta część badań jest niezwykle istotna i przydatna dla hodowców bydła mięsnego. Analizowane genotypy determinują akumulację tłuszczu oraz cechy organoleptyczne, co podkreśla kluczową rolę tych genów w poprawie cech produkcyjnych w hodowli bydła mięsnego.

W publikacji 4 pt.: „Genotype-Dependent Variations in Oxidative Stress Markers and Bioactive Proteins in Hereford Bulls: Associations with DGAT1, LEP, and SCD1 Genes” (tłumaczenie: „Zmienność markerów stresu oksydacyjnego i białek bioaktywnych zależna od genotypu u buhajów rasy Hereford: powiązania z genami DGAT1, LEP i SCD1”) Doktorant dokonał analizy wyników dotyczących polimorfizmu genów DGAT1, LEP i SCD1 oraz ich wpływu na markery stresu oksydacyjnego i właściwości jakościowe mięsa wołowego. W badaniach tych wykazał, że zmienności genotypowe w tych genach miały istotny wpływ na aktywność enzymów antyoksydacyjnych oraz stężenie produktów peroksydacji lipidów, takich jak MDA, GLuRed oraz GPx. Homozygoty TT i CC charakteryzowały się wyższym poziomem MDA oraz wyższą aktywnością enzymów GLuRed oraz GPx. Wykazane korelacje między genem DGAT1 a aktywnością GluRed oraz TAS wskazują, że polimorfizmy w obrębie tego genu wpływają na zdolności adaptacyjne organizmu do utrzymania homeostazy. Ujemne korelacje między SCD1 a aktywnością enzymów antyoksydacyjnych świadczą o zależności między genotypem a odpornością na stres oksydacyjny. A zatem Doktorant wykazał, że wystąpiły mechanizmy adaptacyjne organizmu w

odpowiedzi na zwiększone obciążenie oksydacyjne bowiem wyniki przedstawionych badań potwierdziły hipotezy dotyczące wpływu polimorfizmów genów na jakość mięsa wołowego poprzez modulację procesów związanych ze stresem oksydacyjnym.

W podsumowaniu tej części oceny pragnę stwierdzić, że rozprawa doktorska stanowi zwartą całość badań dających odpowiedź na wiele kwestii związanych z chowem i hodowlą bydła mięsnego, a w szczególności zaś dotyczy znaczenia polimorfizmu genów w aspekcie zdrowotności zwierząt oraz kształtowania jakości mięsa wołowego w dość istotnych wskaźnikach jak konformacja i otłuszczenie tuszy, tempo przemian poubojowych, kruchość, soczystość, smakowitość mięsa, wartość odżywcza oraz status antyoksydacyjny. Przedstawione badania cechują się dużą oryginalnością, innowacyjnością, a wnioski końcowe rozprawy doktorskiej są konkretne, jednoznaczne i nawiązują do tematu rozprawy, postawionych hipotez badawczych, celu jak i uzyskanych rezultatów.

### **Uwagi recenzenta**

Wywiązując się z obowiązku recenzenta pragnę zwrócić uwagę na niektóre kwestie, z którymi wiąże się następujące pytania:

- Doktorant podaje w części metodycznej publikacji 3, że w badaniach uczestniczyło 105 wołców – proszę podać jaki jest udział wołców w produkcji wołowiny w Polsce?
- Zwykle w badaniach uwzględnia się mięsień najdłuższy grzbietu; czym był podyktowany wybór mięśnia półbłoniastego?
- We wstępie Doktorant podaje, że (cytuje): „podstawę produkcji wołowiny w Polsce stanowią mięsne rasy oraz mleczne rasy bydła” – czy rzeczywiście mięsne rasy stanowią tę podstawę?
- Na stronie 40 Doktorant podaje, że konformacja tuszy i otłuszczenie zostały ocenione zgodnie z systemem klasyfikacji EUROP. A zatem pytanie: Kto dokonywał tej oceny?
- W doświadczeniu 2 dotyczącym analizy wyników produkcyjnych buhajów badanych ras Doktorant podaje masę końcową i przewagi dotyczące przyrostów masy ciała. Brakuje tu jednak konkretnych mas ciała buhajów uzyskanych w określonych przedziałach wieku podczas trwającego opasu?

Przedstawione powyżej uwagi i zapytania nie wpływają w żaden sposób na moją bardzo wysoką ocenę rozprawy doktorskiej, a wynikają jedynie z potrzeby wyjaśnienia pewnych kwestii poruszanych przez Doktoranta w rozprawie doktorskiej.

### **Wniosek końcowy**

Rozprawę doktorską mgr Piotra Kostusiaka pt.: „Zależność między genami kandydującymi a kształtowaniem się potencjału oksydacyjnego mięsa wołowego” oceniam bardzo wysoko. Uznaję bardzo duży wkład Doktoranta podczas wykonywania badań i precyzyjność przy opracowywaniu wyników badań do opublikowania, o czym świadczą prace stanowiące podstawę rozprawy doktorskiej i ich opublikowanie w renomowanych czasopismach naukowych z listy JCR. Opublikowanie wyników badań w tak uznanych czasopismach naukowych jest możliwe tylko wówczas, gdy otrzymają one pozytywną ocenę redaktora i recenzentów. Pragnę także podkreślić aspekt nowatorski i praktyczny prowadzonych badań i uzyskanych wyników. Praca Pana mgr Piotra Kostusiaka wnosi wiele nowych konkluzji z zakresu wykorzystania polimorfizmu genów kandydujących i ich związku z kształtowaniem się potencjału antyoksydacyjnego mięsa wołowego istotnych dla wielu kwestii w produkcji wołowiny. Doktorant w pełni sprostał wymogom stawianym kandydatom ubiegającym się tytuł doktora.

Stwierdzam zatem, że rozprawa doktorska mgr Piotra Kostusiaka spełnia wymogi stawiane pracom doktorskim, określone w art. 187 ust. 1 i 2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2023, poz. 742) oraz §9 Regulaminu przeprowadzania postępowań w sprawie nadania stopnia doktora Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie wprowadzonego Uchwałą Nr 89 – 2022/2023 Senatu SGGW z dnia 26 czerwca 2023 roku. W związku z powyższym przedstawiam wniosek





Wysokiej Radzie Dyscypliny Naukowej Zootechnika i Rybactwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o dopuszczenie mgr Piotra Kostusiaka do publicznej obrony.

Uwzględniając powyższe pozytywne uwagi dotyczące Doktoranta oraz wysoka ocenę jej badań, które mają charakter aplikacyjny, innowacyjny oraz są ukierunkowane na zdrowie zwierząt i prozdrowotne walory wołowiny wnoszę o wyróżnienie tej pracy nagrodą JM Rektora SGGW w Warszawie.

Olafy, 10.01.2025



